

Première mise en évidence du Virus de l'Hépatite E chez le porc à Madagascar

Sarah Temmam^{4,6}, Vincent Porphyre¹, Lydia Besnard^{1,4}, Harentsoaniaina R. Andriamanivo², Nicole Pavio³, Hervé Pascalis^{4,5}

(1) CIRAD UMR 112 - 7 chemin de l'IRAT, F-97410 Saint Pierre

(2) FOFIFA - DRZV, Antananarivo

(3) ANSES UMR 1161 - 23, av. Du Gal de Gaulle - 94706 Maisons-Alfort cedex

(4) CRVOI - 2, rue Maxime Rivière 97490 Ste Clotilde - La Réunion

(5) IRD - BP20172 - 97492 Ste Clotilde cedex

(6) CNRS UMR 5557 Ecologie Microbienne - Université C.Bernard Lyon1 43 bd du 11 nov. 1918 - 69622 Villeurbanne

INTRODUCTION

L'hépatite E est une maladie à transmission féco-orale due au Virus de l'Hépatite E (VHE, *Hepeviridae*) pouvant atteindre 1-4% de mortalité, voire 20% chez la femme enceinte.

Les génotypes 1 et 2 de VHE sont strictement inféodés à l'homme et sont responsables d'épidémies dans les pays en développement, les génotypes 3 et 4 se retrouvent dans un grand spectre d'hôtes (principalement des porcs) et sont responsables de cas humains sporadiques [1].

Ces dernières années, des cas de transmission zoonotique via la consommation de foies de porcs contaminés ont été documentés, notamment à Mayotte et à La Réunion. Aucune étude dans la zone Océan Indien sur les risques de transmission du VHE du porc à l'Homme n'a été conduite à ce jour. L'objectif de notre étude est donc d'investiguer la présence du VHE dans des foies de porcs de Madagascar.

METHODOLOGIE

1) Prélèvements / échantillonnage :

Dissection du foie et prélèvement sur la face viscérale, lobe gauche médial au dessus de la vésicule biliaire (cf photo ci-contre).

250 échantillons de foies de porcs de Madagascar

Collectés de Novembre 2010 à Janvier 2011

4 abattoirs / 20 localités (cf fig. 1) :

Ampasika Anosipatrana
Ankandratombo Anosizato

2) Criblage / séquençage :

Analyse des foies par PCR (cf fig. 2)

2 techniques : Jothikumar [2]

Gyarmati modifiée [3; 4]

Séquençage - alignement de séquences

3) Phyllogénie :

ModelTest : GTR + I + G (I=0.5412) (G=0.8411)

Inférence bayésienne 10⁶ itérations

Maximum Likelihood 10³ itérations

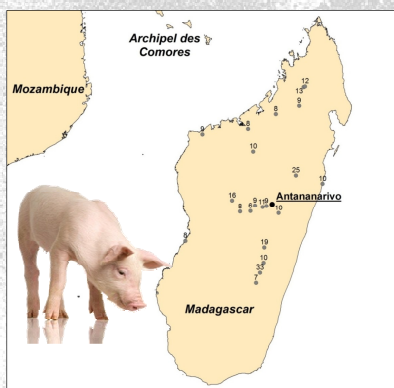


Figure 1 : Origine géographique des animaux échantillonnés

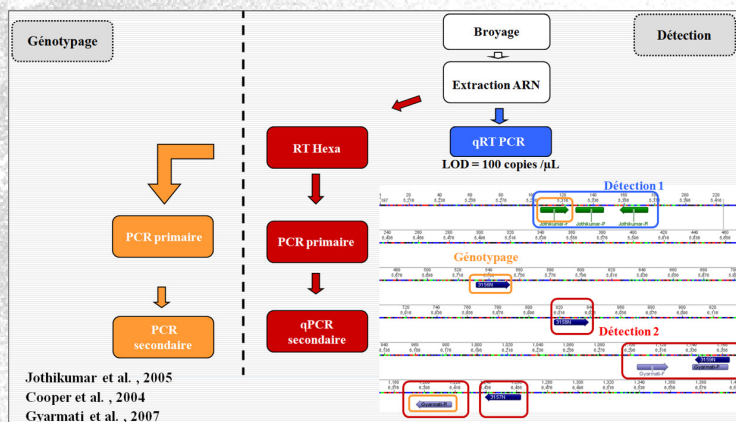
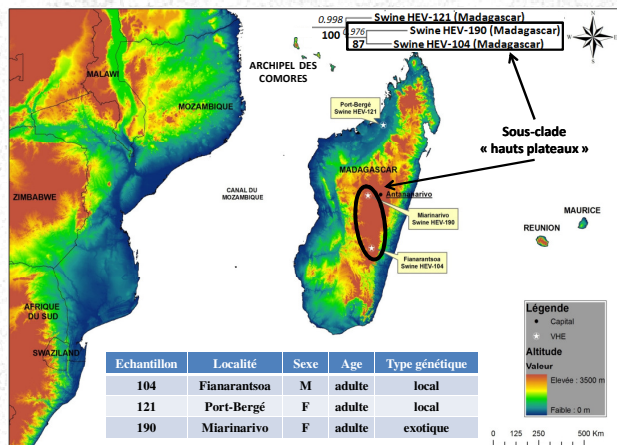


Figure 2 : Séquence d'analyse des foies de porc

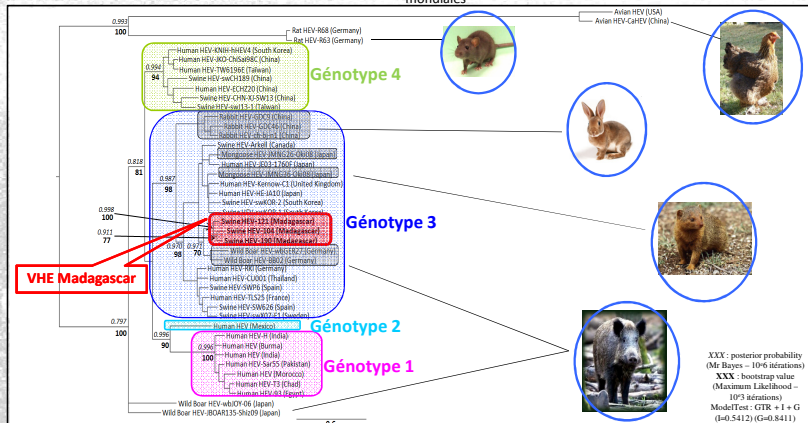
RESULTATS / DISCUSSION

Figure 3 : Répartition géographique des cas de VHE détectés



- 3/250 (1.2%) foies contaminés
- 2 zones géographiques distinctes (cf fig. 3) :
 - littoral Nord-Ouest : Port-Bergé
 - hauts plateaux : Mianarivo et Fianarantsoa

Figure 4 : Phyllogénie des souches de VHE malgache comparées à des souches de VHE humaine, porcine et de faune sauvage mondiales



- Les souches de VHE malgache appartiennent phylogénétiquement au **génotype 3** (fig. 4) et forment un **sous-clade distinct** → **sous-génotype** ?
- Les 2 isolats des Hauts Plateaux (HEV-190 et HEV-104) sont phylogénétiquement plus proches que l'isolat du littoral (HEV-121) → **influence de la localisation géographique** ?
- Les souches de VHE malgache sont génétiquement proches de souches de VHE isolées chez des **sangliers** → **rôle de la Faune Sauvage dans le cycle de transmission du virus Malgache** ?

CONCLUSION

- Prévalence de 1.2% dans les foies de porc commercialisés
- VHE Madagascar appartient au **génotype 3**, sous-clade malgache distinct

BIBLIOGRAPHIE

- Pavio N, Meng XJ, Renou C. Zoonotic hepatitis E: animal reservoirs and emerging risks. Vet Res. 2010 Nov-Dec;41(6):46.
- Jothikumar N, Cromeans TL, Robertson BH, Meng XJ, Hill VR. A broadly reactive one-step real-time RT-PCR assay for rapid and sensitive detection of hepatitis E virus. J Virol Methods. 2006 Jan;131(1):65-71.
- Gyarmati P, Mohammed N, Norder H, Blomberg J, Belak S, Widén F. Universal detection of hepatitis E virus by two real-time PCR assays: TaqMan and Primer-Probe Energy Transfer. J Virol Methods. 2007 Dec;146(1-2):226-35.
- Cooper K, Huang FF, Batista L, Rayo CD, Bezanilla JC, Toth TE, Meng XJ. Identification of genotype 3 hepatitis E virus (HEV) in serum and fecal samples from pigs in Thailand and Mexico, where genotype 1 and 2 HEV strains are prevalent in the respective human populations. J Clin Microbiol. 2005 Apr;43(4):1684-8.